

MEMORIA FINAL DEL PROYECTO

Título del Proyecto:

Elaboración de guiones para el estudio interactivo de la relación estructura-función de proteínas: Uso de Jmol para la docencia de Bioquímica en el grado de Biotecnología.

Referencia del Proyecto:

PID2016/161

Miembros del Equipo:

M. ISABEL MUÑOZ BARROSO (COORDINADORA)*

ÁNGEL HERNÁNDEZ HERNÁNDEZ*

JOSÉ FRANCISCO ADSERIAS[†]

*Departamento de Bioquímica y Biología Molecular. Facultad de Biología

[†]Fundación General de la USAL

RESUMEN

La asignatura Bioquímica del 2º de Grado en Biotecnología se centra en el estudio de la estructura y función de las biomoléculas. Las biomoléculas son entidades tridimensionales cuya estructura, función e interacciones son difíciles de comprender si no se visualizan en sus tres dimensiones. En este Proyecto de Innovación Docente se han elaborado seis guiones interactivos para el estudio de proteínas claves del metabolismo. Para cada una de las seis proteínas elegidas, se ha resumido su función en el metabolismo, reacción enzimática que catalizan, aspectos estructurales, patologías relacionadas y uso como diana terapéutica, en su caso. Para el tratamiento de los aspectos estructurales, se ha acudido a la base de datos Protein Data Bank, PDB (<http://www.rcsb.org/pdb/home/home.do>) utilizando el programa JSmol (<http://jsmol.sourceforge.net/>) que permite la visualización de estructuras directamente en el navegador. Se ha creado un “microsite” en la página web del Departamento de Bioquímica y Biología molecular (<http://proteinasestructurafuncion.usal.es/>) para la utilización de los recursos en clases de seminario y de teoría de la asignatura.

OBJETIVOS

El objetivo general de este PID es la elaboración de materiales docentes interactivos para el estudio en clases presenciales de teoría y/o seminarios de aspectos estructurales de proteínas claves del metabolismo, materiales que estén accesibles a través de la página web del Departamento de Bioquímica y Biología Molecular. La finalidad última es conseguir una mejora global en el proceso de aprendizaje de los alumnos de Bioquímica del Grado en Biotecnología, aumentando las habilidades de los estudiantes en la visualización 3D de las proteínas y moléculas efectoras, el interés y la motivación por el estudio de aspectos estructurales de las biomoléculas; y fomentando del aprendizaje autónomo, el autoaprendizaje, la autoevaluación y el trabajo continuo.

DESARROLLO DEL PROYECTO

El proyecto se ha desarrollado en tres etapas:

1. Elaboración de guiones. Los profesores responsables del PID elaboramos un guion para cada proteína elegida durante el primer trimestre del curso 2016/17.
2. Creación de los recursos interactivos y alojamiento del “microsite” en abierto en la página web del Departamento de Bioquímica y Biología Molecular. Esta fase fue llevada a cabo por la Fundación General de la Universidad durante los meses de enero, febrero y marzo de 2017.

Durante este tiempo, ha habido una constante retroalimentación entre los profesores y los responsables de la Fundación General para resolver con rapidez los problemas que se plantearon durante la puesta en marcha de los guiones.

3. Puesta en práctica y calificación. De los seis recursos elaborados, cinco se han utilizado en clase de seminarios (que se realizaron en aula de informática con un ordenador para cada alumno), y uno en clase de teoría durante la docencia del segundo semestre.

Para la calificación de la actividad, al final de cada sesión de seminario en las que se utilizaron los recursos elaborados, los alumnos tuvieron que contestar un cuestionario con seis cuestiones tipo test a través de *Studium*. Las notas medias de los cuestionarios estuvieron entre 9,4 y 9,8, lo que nos indica un alto grado de comprensión de la actividad.

A continuación, se concretan algunos aspectos del desarrollo de los guiones.

En la Figura 1 se muestra el aspecto de la página de acceso, con los modelos moleculares de las seis proteínas estudiadas.

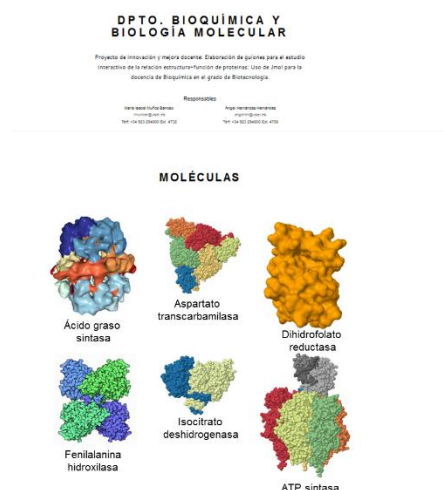


Fig.1: Portada de acceso a la página <http://proteinasestructurafuncion.usal.es/>.

La primera proteína en ser estudiada en clase de seminario fue la **aspartato transcarbamilasa**, ejemplo clásico de enzima alostérica que se había estudiado previamente en las clases de teoría del primer semestre correspondientes a la enzimología. Mediante los enlaces a los modelos 3D de esta enzima, los alumnos pudieron entender el fenómeno de alosterismo y los cambios conformacionales que sufren las enzimas alostéricas para la regulación de su función (Fig. 2).

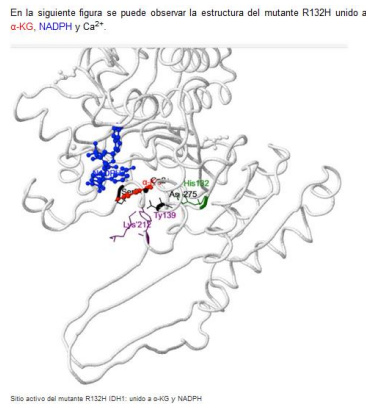


Fig. 4: Estructura del sitio activo del mutante Arg132His de la isocitrato deshidrogenasa.

El recurso desarrollado sobre **la ácido graso sintasa** se utilizó en clase de teoría para la explicación del proceso de síntesis de ácidos grasos en mamíferos. En este caso, se pidió a los alumnos que acudieran a clase con sus ordenadores portátiles, móviles y tabletas para poder acceder a los enlaces de manera interactiva.

La enzima **fenilalanina hidroxilasa** se escogió para estudiar una enzima clave del metabolismo de los aminoácidos y como ejemplo de una enfermedad metabólica consecuencia de defectos en esta enzima (Fig. 5).

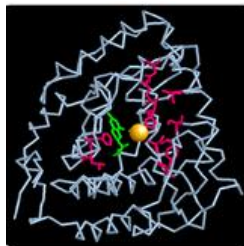


Fig. 5: Ejemplos de mutaciones frecuentes en la fenilalanina hidroxilasa.

El último recurso estudiado fue el desarrollado para la enzima **dihidrofolato reductasa**, enzima esencial para la biosíntesis de nucleótidos que se utiliza como diana de la terapia anticancerígena. Se estudiaron los aspectos bioquímicos y estructurales que determinan que el fármaco metotrexato se use en quimioterapia como potente inhibidor competitivo de esta enzima (Fig. 6).

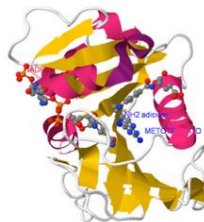


Fig. 6: Unión del inhibidor metotrexato a la dihidrofolato reductasa.

EVALUACIÓN DEL DESARROLLO DEL PROYECTO

Evaluación interna.

Los profesores responsables del PID hemos comprobado que los alumnos han accedido sin dificultad a los diferentes enlaces propuestos en los guiones utilizando los ordenadores del aula de informática. Según avanzaban a lo largo de los guiones, los profesores resolvimos las dudas que se fueron planteando.

Sin embargo, en algunos modelos complejos, se ralentizaba la carga de las estructuras. También se solicitó a los alumnos que accedieran a los recursos propuestos a través de sus dispositivos móviles. En este caso, la carga de los modelos moleculares fue significativamente más lenta que a través de los ordenadores. Estos problemas esperamos que se resuelvan con las sucesivas actualizaciones del software.

Como ya se ha comentado más arriba, la evaluación de los alumnos en clase de seminarios se llevó a cabo a través de la resolución individual de cuestionarios a través de Studium para evaluar el grado de comprensión de la materia de estudio, con resultados altamente satisfactorios (los valores de las notas medias de los cuestionarios estuvieron entre 9,4 y 9,8).

Encuesta de satisfacción de los estudiantes.

Al finalizar el segundo semestre, se consultó a los estudiantes sobre el grado de satisfacción con el proyecto. Para ello, se elaboró la encuesta que se recoge a continuación (Tabla 1):

Tabla 1: Encuesta del grado de satisfacción de los alumnos

PID "Elaboración de guiones para el estudio interactivo de la relación estructura-función de proteínas: Uso de Jmol para la docencia de Bioquímica en el grado de Biotecnología"

Conteste de 1 a 5 a las siguientes cuestiones: (1): Muy en desacuerdo (2): En desacuerdo (3): Ni acuerdo ni desacuerdo (4): De acuerdo (5): Totalmente de acuerdo

	1	2	3	4	5
1) Los modelos moleculares escogidos son claros.					
2) Los modelos moleculares y explicaciones de los guiones me han ayudado a comprender la función de las proteínas.					
3) Los modelos moleculares y explicaciones de los guiones me han ayudado a comprender la asignatura.					
4) Los modelos moleculares me han permitido atender mejor las clases teóricas.					
5) El tiempo empleado en el estudio/desarrollo de los modelos es el adecuado.					
6) El acceso a los modelos a través de dispositivos móviles es correcto.					
7) Estoy satisfecho con la calidad de los guiones y esquemas.					
8) Considero que los guiones son didácticos.					
9) Los test planteados tras el estudio de los modelos me han resultado sencillos.					
10) Considero que este tipo de recursos debe emplearse solo en clases de seminario.					
11) Considero que este tipo de recursos debe emplearse solo en clases de teoría.					
12) Considero que este tipo de recursos debe emplearse en clases de teoría y de seminario.					
13) Deberían desarrollarse más recursos similares en la asignatura de Bioquímica.					
14) Deberían desarrollarse recursos similares en otras asignaturas.					
15) La utilización de estos recursos ha aumentado mi interés por las asignaturas.					
16) ¿Qué nota general darías al material aportado?					
17) Grado de satisfacción general con el proyecto					

Señala los aspectos, a tu juicio, más positivos y negativos del proyecto. Si te parece adecuado, puedes indicar sugerencias de mejora.

Respondieron a la encuesta 35 alumnos, con el resultado resumido en la siguiente gráfica (Fig. 7):

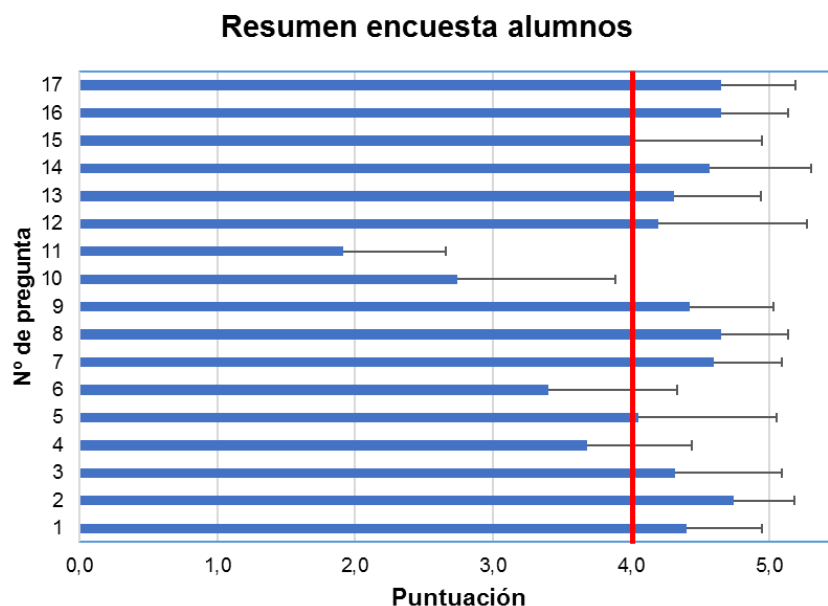


Fig. 7: Resumen de los resultados de la encuesta de valoración de los alumnos.

Como se deduce de los datos de la encuesta, la satisfacción general con los recursos elaborados es muy alta, obteniendo la mayoría de las cuestiones planteadas valoraciones superiores a 4. Cabe destacar que la mayoría de los alumnos consideran que “los guiones son didácticos” (pregunta nº 8, $4,66 \pm 0,48$), “los modelos moleculares han ayudado a comprender la función de las proteínas” (pregunta nº 2, $4,74 \pm 0,44$), “deberían desarrollarse recursos similares en otras asignaturas” (pregunta nº 14, $4,57 \pm 0,74$), y manifiestan alto “grado de satisfacción con el proyecto” (pregunta nº 17, $4,66 \pm 0,54$). Por otro lado, la mayoría prefiere que el recurso sea utilizado tanto en clase de teoría como de seminarios (ver resultados de las preguntas nº 10, 11 y 12). Como ya nos habían comentado verbalmente, la respuesta a la pregunta 6, “el acceso a los modelos a través de dispositivos móviles es correcto” muestra valores inferiores a cuatro ($3,40 \pm 0,93$).

Los alumnos también señalaron los aspectos del PID que consideran más positivos y negativos, junto con algunas sugerencias. Entre los aspectos positivos, indican que los modelos escogidos son muy visuales y el tratamiento didáctico, lo que facilita la tarea de comprensión de los mecanismos moleculares de las enzimas de manera alternativa y amena. Consideran particularmente interesante y útil la referencia al uso de inhibidores y activadores de enzimas, y la relación con diferentes patologías. Valoran también positivamente que los recursos queden accesibles para volver sobre ellos. La mayoría incide en que los recursos deberían usarse con mayor frecuencia en clase de teoría y que debería mejorarse el acceso a través de los dispositivos

móviles. Consideran escaso el número de proteínas escogidas, y sugieren otras para ser tratadas en la página.

Evaluación externa del PID.

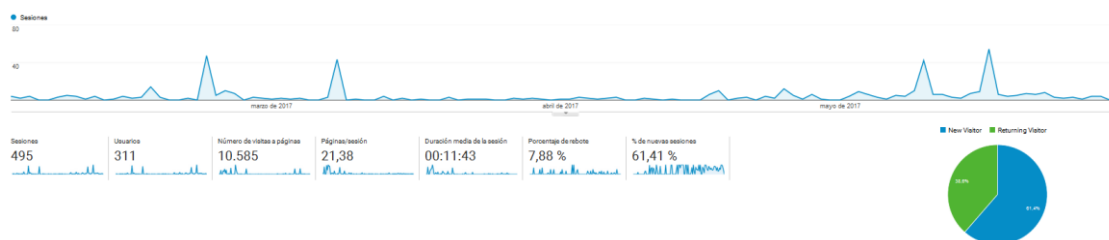
Como se ha comentado más arriba, el “microsite” desarrollado en el proyecto se ha alojado en la página web del Departamento de Bioquímica y Biología molecular (DBBM) (Fig. 8) lo que se ha comunicado al resto de profesores del Departamento, ofreciendo la posibilidad de que sea usado en otros Grados y asignaturas.



Fig. 7: Acceso al recurso a través de la página del DBBM.

Utilizando la herramienta de Google “Google Analytics”, (<https://www.google.es/intl/es/analytics/>), hemos analizado las visitas que se han realizado al sitio web desde el 1/2/2017 al 30/5/2017, según se resume a continuación:

- Número de visitas: la página ha tenido **10.585** visitas en 495 sesiones:



- Información demográfica, idioma y duración de las sesiones. Aproximadamente, el 82 % de las visitas han sido realizadas por usuarios españoles, siendo el restante 18 % visitas de usuarios de países de habla hispana:

País	Adquisición			Comportamiento			
	Sesiones	% de nuevas sesiones	Usuarios nuevos	Porcentaje de rebote	Páginas/sesión	Duración media de la sesión	
	495 % del total: 100.00 % (495)	61,41 % Media de la visita: 87,41 % (0,00 %)	304 % del total: 100.00 % (304)	7,88 % Media de la visita: 7,88 % (0,00 %)	21,38 Media de la visita: 21,38 (0,00 %)	00:11:43 Media de la visita: 00:11:43 (0,00 %)	
1. Spain	406 (82,02 %)	57,14 %	232 (76,32 %)	9,11 %	24,58	00:14:05	
2. Colombia	27 (5,45 %)	66,67 %	18 (5,92 %)	0,00 %	7,00	00:00:56	
3. Mexico	25 (5,05 %)	88,00 %	22 (7,24 %)	0,00 %	7,20	00:01:17	
4. Peru	12 (2,42 %)	83,33 %	10 (3,29 %)	0,00 %	6,25	00:00:43	
5. Argentina	9 (1,82 %)	88,89 %	8 (2,63 %)	0,00 %	6,44	00:00:03	
6. Chile	3 (0,61 %)	66,67 %	2 (0,66 %)	0,00 %	6,67	00:00:01	
7. Bolivia	2 (0,40 %)	100,00 %	2 (0,66 %)	0,00 %	7,00	00:00:04	
8. Brazil	2 (0,40 %)	100,00 %	2 (0,66 %)	0,00 %	12,00	00:00:03	
9. Dominican Republic	2 (0,40 %)	50,00 %	1 (0,33 %)	0,00 %	6,00	00:00:01	
10. Ecuador	2 (0,40 %)	100,00 %	2 (0,66 %)	0,00 %	6,00	00:00:01	
11. Guatemala	1 (0,20 %)	100,00 %	1 (0,33 %)	0,00 %	6,00	00:00:03	
12. Hong Kong	1 (0,20 %)	100,00 %	1 (0,33 %)	100,00 %	1,00	00:00:00	
13. Honduras	1 (0,20 %)	100,00 %	1 (0,33 %)	0,00 %	6,00	00:00:02	
14. Nicaragua	1 (0,20 %)	100,00 %	1 (0,33 %)	0,00 %	6,00	00:00:01	
15. United States	1 (0,20 %)	100,00 %	1 (0,33 %)	100,00 %	1,00	00:00:00	

- En relación con el comportamiento de los usuarios, el 40 % son recurrentes:

Tipo de usuario	Adquisición			Comportamiento			
	Sesiones	% de nuevas sesiones	Usuarios nuevos	Porcentaje de rebote	Páginas/sesión	Duración media de la sesión	
	495 % del total: 100.00 % (495)	61,41 % Media de la visita: 87,41 % (0,00 %)	304 % del total: 100.00 % (304)	7,88 % Media de la visita: 7,88 % (0,00 %)	21,38 Media de la visita: 21,38 (0,00 %)	00:11:43 Media de la visita: 00:11:43 (0,00 %)	
<input type="checkbox"/> 1. New Visitor	304 (61,41 %)	100,00 %	304 (100,00 %)	4,38 %	14,69	00:11:24	
<input type="checkbox"/> 2. Returning Visitor	191 (38,59 %)	0,00 %	0 (0,00 %)	13,81 %	33,84	00:12:12	

- En cuanto a la tecnología utilizada, el 60 % de las sesiones se ha llevado a cabo utilizando el navegador Firefox, y el 62 % utilizando el servidor de la USAL.

Navegador	Adquisición			Comportamiento			
	Sesiones	% de nuevas sesiones	Usuarios nuevos	Porcentaje de rebote	Páginas/sesión	Duración media de la sesión	
	495 % del total: 100.00 % (495)	61,41 % Media de la visita: 87,41 % (0,00 %)	304 % del total: 100.00 % (304)	7,88 % Media de la visita: 7,88 % (0,00 %)	21,38 Media de la visita: 21,38 (0,00 %)	00:11:43 Media de la visita: 00:11:43 (0,00 %)	
<input type="checkbox"/> 1. Firefox	295 (59,59 %)	60,39 %	154 (50,66 %)	4,71 %	33,35	00:20:28	
<input type="checkbox"/> 2. Chrome	182 (36,77 %)	58,24 %	106 (34,87 %)	9,89 %	9,26	00:02:29	
<input type="checkbox"/> 3. Safari	33 (6,67 %)	72,73 %	24 (7,89 %)	12,12 %	6,94	00:00:39	
<input type="checkbox"/> 4. Internet Explorer	13 (2,63 %)	84,62 %	11 (3,62 %)	23,08 %	6,54	00:05:49	
<input type="checkbox"/> 5. Edge	9 (1,82 %)	66,67 %	6 (1,97 %)	22,22 %	6,33	00:02:54	
<input type="checkbox"/> 6. Android Browser	1 (0,20 %)	100,00 %	1 (0,33 %)	0,00 %	12,00	00:02:42	
<input type="checkbox"/> 7. BlackBerry	1 (0,20 %)	100,00 %	1 (0,33 %)	0,00 %	6,00	00:00:01	
<input type="checkbox"/> 8. Opera	1 (0,20 %)	100,00 %	1 (0,33 %)	0,00 %	6,00	00:00:01	

- El acceso a la página se hizo mayoritariamente a través de ordenadores (84 % de las sesiones) seguido de teléfonos móviles (13 %) y de tabletas (4 %).

Categoría de dispositivos	Adquisición			Comportamiento			
	Sesiones	% de nuevas sesiones	Usuarios nuevos	Porcentaje de rebote	Páginas/sesión	Duración media de la sesión	
	495 % del total: 100.00 % (495)	61,41 % Media de la visita: 87,41 % (0,00 %)	304 % del total: 100.00 % (304)	7,88 % Media de la visita: 7,88 % (0,00 %)	21,38 Media de la visita: 21,38 (0,00 %)	00:11:43 Media de la visita: 00:11:43 (0,00 %)	
<input type="checkbox"/> 1. desktop	414 (83,64 %)	61,36 %	259 (85,51 %)	7,75 %	22,68	00:19:45	
<input type="checkbox"/> 2. mobile	60 (12,12 %)	60,32 %	38 (12,50 %)	7,84 %	8,14	00:02:09	
<input type="checkbox"/> 3. tablet	18 (3,67 %)	61,11 %	11 (3,62 %)	19,38 %	6,78	00:00:18	

CONCLUSIONES

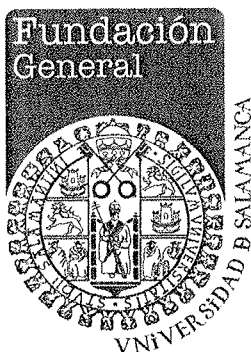
Consideramos altamente satisfactoria la implementación del PID. El desarrollo de las etapas planificadas se ha ajustado a lo previsto, se han elaborado los seis guiones propuestos, y se han puesto en práctica en el aula. La valoración por parte de los profesores y de los alumnos coincide en resaltar el aspecto didáctico y visual de los modelos escogidos, que ha facilitado la explicación

y la comprensión por parte de los estudiantes de los aspectos estructurales del mecanismo de acción de las proteínas escogidas. Consideramos que, con el desarrollo del Proyecto, han aumentado de las habilidades de los estudiantes en para la visualización 3D de las macromoléculas, y el interés y la motivación de los alumnos por el estudio de la asignatura.

Acciones de futuro: para el próximo curso, pensamos introducir los recursos en las clases de teoría. Siempre que dispongamos de presupuesto, los profesores nos planteamos también aumentar el número de proteínas estudiadas, empujando la misma estrategia para otras asignaturas del Grado en Biotecnología como Química e Ingeniería de proteínas.

INFORME ECONÓMICO

El PID fue dotado con 575 € que se destinaron al pago de las labores de programación y alojamiento de los recursos en la página web del Departamento de Bioquímica y Biología Molecular llevadas a cabo por la Fundación general de la USAL.




C/ Fonseca, 2.37002 Salamanca(España)
 Tlf: 923294500 Ext: 3028
 Fax: 923294702
 e-mail: contabilidad@universitas.usal.es

UNIVERSIDAD DE SALAMANCA
 Dpto. de Bioquímica y Biología Molecular
 Campus Miguel de Unamuno
 37008 SALAMANCA
 España

NIF Q3718001E
 Att.:

Cod. Cliente	C000024
Nº Factura	VTA1700070
Fecha	23/02/17

Concepto	Importe
Concepto: Proyecto: ID2016/161 Elaboración de guiones para el estudio interactivo de la relación estructura-función de proteínas: uso de JMOL para la docencia bioquímica en el grado de biotecnología (Servicios Informáticos). 	475,21

Base imponible	475,21
----------------	--------

21,00	99,79
-------	-------

Total factura EUR	575,00
-------------------	--------

Nº cuenta bancaria: 00491843462110186226
 SWIFT: BSCHESMM
 IBAN: ES08 0049 1843 4621 1018 6226

Forma de pago: Transferencia Bancaria a Nombre de la Fundación General de la Universidad de Salamanca
 Inscrita legalmente por Orden 20 de Julio 1998, Junta de Castilla y León (BOCYL Nº 145, 31 de Julio 1998) - CIF: G37338118